



FIG. 1A

```
1 60
SEQ ID NO:25 (gi 2969887) MAG-----PEADNRHRGGATAAPP-----
SEQ ID NO:26 (gi 2723471) MARGSGAGGGGGG-----GGGIEL-----SVGVGGG-ARGGGGGEAAAAVET
SEQ ID NO:27 (gi 542020) MQS-----STSKENKQPPSSQHPPLMVAGAAE
SEQ ID NO:28 (gi 1935019) MEP-----LSSTKQINNNNNLAKPSSLHVETQP-
SEQ ID NO:2 MARG-----DG-----GQLAEL-----SAGVRG-----AAAVVDH
SEQ ID NO:4 HE-----
SEQ ID NO:6 AA-----DH
SEQ ID NO:8 -----
SEQ ID NO:10 MDSAAGGGGLTAIRLPYRHLR-DAEMELVSLN-----GGTPRGSGPKDPDATHQ-QGPPA
SEQ ID NO:12 ME-----EPQ
SEQ ID NO:14 MEP-----LSSTKH-----NNLSKPSSLHTEAPP-
SEQ ID NO:16 AR-----
SEQ ID NO:18 -----
SEQ ID NO:20 MARG-----GG-----NGEVEL-----SVGVGGGG-----GAAGGGEQPAVD-
SEQ ID NO:22 MARG-----GG-----NGEVEL-----SVGVGGGGA-----GA-GGADAPAVD-
SEQ ID NO:24 -----GSDAARPKKEEQGGGAGAGEG

61 120
SEQ ID NO:25 (gi 2969887) RSRVSLRLLLRVASVACGIQFGWALQLSLLTPYVQELGIPHAWSSIIWLCGPLSGLLVQP
SEQ ID NO:26 (gi 2723471) AAPISLGRLLISGMVAGGVQYGWALQLSLLTPYVQTLGLSHALTSMFWLCCGPIAGMVVQP
SEQ ID NO:27 (gi 542020) PNSSPLRKVMVASIAAGIQFGWALQLSLLTPYVQLLGIPHHTWAAFIWLCGPISGMLVQP
SEQ ID NO:28 (gi 1935019) LEPSPLRKIMVVASIAAGVQFGWALQLSLLTPYVQLLGIHHTWAAFIWLCGPISGMLVQP
SEQ ID NO:2 VAPISLGRLLIAGMVAGGVQYGWALQLSLLTPYVQTLGLSHALTSMFWLCCGPIAGLVVQP
SEQ ID NO:4 VAPISLGRLLIAGMVAGGVQYGWALQLSLLTPYVQTLGLSHALTSMFWLCCGPIAGLVVQP
SEQ ID NO:6 -----HEIT-----
SEQ ID NO:8 ARTTTTRKLVACMVAAGVQFGWALQLSLLTPYIQTGLIDHAMASFIWLCGPITGFVVQP
SEQ ID NO:10 PGPSPLRKIMLVSSMAAGIQFGWALQLSLLTPYVQTLGVPHAWASFIWLCGPISGLLVQP
SEQ ID NO:12 PEASPLRKIMVVASIAAGVQFGWALQLSLLTPYVQLLGIPHHTWAAFIWLCGPISGMLVQP
SEQ ID NO:14 -----GW-----
SEQ ID NO:16 -----
SEQ ID NO:18 -----
SEQ ID NO:20 ----ISLGRLLIAGMVAGGVQYGWALQLSLLTPYVQTLGLSHALTSMFWLCCGPIAGLVVQP
SEQ ID NO:22 ----ISLGRLLIAGMVAGGVQYGWALQLSLLTPYVQTLGLSHALTSMFWLCCGPIAGLVVQP
SEQ ID NO:24 MKGAPKWRVVLACMVAAGVQFGWALQLSLLTPYIQTGLIDHAMASFIWLCGPITGFVVQP
```

FIG. 1B

121 180
 SEQ ID NO:25 (gi 2969887) IVGHMSDQCTSKYGRRRPFIVAGGTAILAVIIIAHSADIGLLGDT---AD---NKT
 SEQ ID NO:26 (gi 2723471) CVGLYSDRCTSKWGRRRPYILTCVLIACVAVVIGFSADIGYAMGDTKEDCSVYHGSRWH
 SEQ ID NO:27 (gi 542020) IVGYHSDRCTSRFGRRRPFIAAGFAVAIAVFLIGYAADLHLSGDSLDK-S-----PKTR
 SEQ ID NO:28 (gi 1935019) IVGYHSDRCTSRFGRRRPFIAAGSIAVAIAVFLIGYAADLHLSGDSLDQ-K-----VRPR
 SEQ ID NO:2 LVGLYSDRCTSRWGRRRPFILTCMLICVAVIVVGFSSDIGAALGDTKEHCSTLYHGPRWH
 SEQ ID NO:2
 SEQ ID NO:4
 SEQ ID NO:6 LVGLYSDRCTARWGRRRPFILIGCMLICLAVIVVGFSSDIGAALGDTKEHCSTLYHGPRWH
 SEQ ID NO:8 -----ASIAAAVLTVGFSADLGRIFGDSITPGS-----TRLG
 SEQ ID NO:10 CVGWSDKCRSKYGRRRPFILAGCLMICFAVTLIGFSADLGYILGDTTEHCSTYKGSRFR
 SEQ ID NO:12 IVGYSSDRCSRFGRRRPFILAGSLAVAIAVFLIGYAADIGHAAGDNLQ-K-----TRPR
 SEQ ID NO:14 IVGYHSDRCTSRFGRRRPFIAAGSLAVAIAVFLIGYAADLGHMFGDSLAK-K-----TAPR
 SEQ ID NO:16
 SEQ ID NO:18
 SEQ ID NO:20 CVGLYSDKCTSRWGRRRPFILTCILICIAVVVVGFSADIGAGLGDSEKESLYHGPRWH
 SEQ ID NO:22 CVGLYSDKCTSRWGRRRPFILTCILICIAVVVVGFSADIGAGLGDSEKESLYHGPRWH
 SEQ ID NO:24 CVGWSDKCRSKYGRRRPFILAGCVLICAAVTLVGFSADLGYMLGDTTEHCSTYKGLRYR

181 240
 SEQ ID NO:25 (gi 2969887) AIVAFVIGFWILDVANNTVQGPCRALLADLTGNDARRTRVANAYFSLFMAIGNVLGYATG
 SEQ ID NO:26 (gi 2723471) AAIIVVLGFWLLDFSNNTVQGPALMALDLSGRHGPGT--ANSIFCSWMAMGNILGYSSG
 SEQ ID NO:27 (gi 542020) AIAIFVVGFWILDVANNTVQGPCRALLADLSTGTSQKTRTANALFSEFFMAVGNVLGYAAG
 SEQ ID NO:28 (gi 1935019) AIGIFVVGFWILDVANNTVQGPCRALLGDLGAGNQRKTRNANAFFSEFFMAVGNVLGYAAG
 SEQ ID NO:2 AAIIVVLGFWLLDFSNNTVQGPARAMMADLCDHHGPSA--ANSIFCSWMALGNILGYSSG
 SEQ ID NO:4 -----
 SEQ ID NO:6 AAIIVVLGFWLLDFSNNTVQGPARAMMADLCGHHGPSA--ANSIFCSWMALGNILGYSSG
 SEQ ID NO:8 AIIIVVLGFWLLDVGNNTVQGPCRAFLADLTENDPRRTRIANAYFSLFMAIGNVLGYATG
 SEQ ID NO:10 AAIIFVLGFWMLDLANNTVQGPALMALDLADLSPDQCNS--ANAIFCTWMAVGNVLGFSSG
 SEQ ID NO:12 AVAIFVIGFWILDVANNTVQGPCRAFLGDLAAGDEKKTKAANAFFSEFFMAVGNVLGYAAG
 SEQ ID NO:14 HR-IFVVGFWILDVANNTVQGPCRALLGDLGAGEQKTRNANAFFSEFFMAVGNVLGYAAG
 SEQ ID NO:16 -----
 SEQ ID NO:18 -----
 SEQ ID NO:20 AAIIVVLGFWLLDFSNNTVQGPALMALDLAQHGPSA--ANSIFCSWMALGNILGYSSG
 SEQ ID NO:22 AAIIVVLGFWLLDFSNNTVQGPALMALDLAQHGPSA--ANSIFCSWMALGNILGYSSG
 SEQ ID NO:24 AAFIFIGFWMLDLANNTVQGPALMALDLADLSPDQCNS--ANAIFCSWMAVGNVLGFSA

FIG. 1C

241 300
 SEQ ID NO:25 (gi 2969887) AYSGWYKVFPEFLTSSTINCANLKSIFYIDIIIFIITTYISISAAKERPRISSQDGP--
 SEQ ID NO:26 (gi 2723471) STNNWHKWFPEFLKTRACCEACANLKGAFVAVIFLSLCLVITLIFAKEVPFKGNAA--
 SEQ ID NO:27 (gi 542020) AYTHLYKLFPEFTKTTACDVYCANLKSFFISIVLLSLTVLALSIVYKEKPWSPDQAVD--
 SEQ ID NO:28 (gi 1935019) AYSKLYHVFPFTKTKACNVYCANLKSFFLSIALLTVLATSALIYVKETALTPEKTVV--
 SEQ ID NO:2 STNNWHKWFPEFLKTSACCEACANLKGAFVAVVFLVCLTVTLIFAKEVPYRANEN--
 SEQ ID NO:4 STNNWHKWFPEFLMTNACCEACANLKGAFVAVVFLIMCLTITLFFAKEVPYRGNQ--
 SEQ ID NO:6 AYSGWYKIFPFTVTPSCSISCANFKSAFLDIIILVVTCITVASV--QEPQ--
 SEQ ID NO:8 ASGNWHKWFPEFLMTRACCEACANLKAFLVAVVFLFCMSVTLYFAEEIPEPTDAQRLS
 SEQ ID NO:10 SYDGLHRLFPFTEACNVFCANLKSFFFAIVLLVLTTLVLTIVKETPYTPKAEKE--
 SEQ ID NO:12 SYSGLHNVPFPTKTKACDVYCANLKSFFLSIALLLTSLTIALTYVKEKTVSSEKTVR--
 SEQ ID NO:14
 SEQ ID NO:16
 SEQ ID NO:18
 SEQ ID NO:20 STNNWHKWFPEFLRTRACCEACANLKGAFVAVLVLAFCLVITVIFAKEIPYKAIAP--
 SEQ ID NO:22 STNNWHKWFPEFLRTRACCEACANLKGAFVAVLFLAFCLVITVIFAKEIPYKAIAP--
 SEQ ID NO:24 ASGNWHKWFPEFLMTRACCEACGNLKAFLIAVAVLFLFCMAVTLYFAEEIPEPKDAQQLS

301 360
 SEQ ID NO:25 (gi 2969887) -----QFSEDGTAQSGHIEA---F---
 SEQ ID NO:26 (gi 2723471) ---LPT-KSNEPAEPEGT-----G
 SEQ ID NO:27 (gi 542020) ---NAEDDTASQASSAQPMFFF--
 SEQ ID NO:28 (gi 1935019) ---TT-EDGSSGG---MPCF--
 SEQ ID NO:2 LPTTKAGGEVETEPT-----G
 SEQ ID NO:4 ---LPT-KANGEVETEPTS-----G
 SEQ ID NO:6 ---SFGSDEADHPSTEQEA---F---
 SEQ ID NO:8 DSAPLLNGSRDDNNASNEPRNGALPNGHTDG---SNVPANSNAE-DSNSNRENVEVFNDG
 SEQ ID NO:10 ---TEDAEKT---HFSCF--
 SEQ ID NO:12 ---SSVEEDGSHGG---MPCF--
 SEQ ID NO:14
 SEQ ID NO:16
 SEQ ID NO:18 ---LPT-KNGQVEVEPT-----G
 SEQ ID NO:20 ---LPT-KANGOVEVEPT-----G
 SEQ ID NO:22 DSAPLLNGSRDDHDASSEQTNGGLSNGHADA---NHVSANSSADAGSNSNKDDVEAFNDG
 SEQ ID NO:24

FIG. 1D

361
 SEQ ID NO:25 (gi 2969887) ---LWELFCGTRLLPGSVWVILLVTCNLNWIGWFPFILLFDTDMGREIYGGEPNQ---GQ
 SEQ ID NO:26 (gi 2723471) P----LAVLKGFRNLPTGMPSVLIVTGLTWLSWFPFILIYDTDMGREIYHGDPKGTDPOI
 SEQ ID NO:27 (gi 542020) -----GEILGAFKNLKRPMWILLVTCNLNWIAWFPFLLFDTDMGREVYGGDSSGSAEQL
 SEQ ID NO:28 (gi 1935019) -----GQLSAGFKNLKRPMWILLVTCNLNWIAWFPFLLFDTDMGREVYGGTVGEGHA--
 SEQ ID NO:2 P----LAVLKGFKDLPPGMPSVLLVTAITWLSWFPFILIYDTDMGREIYHGDPKGSNAQI
 SEQ ID NO:4 -----
 SEQ ID NO:6 P----LAVLKGFKNLPTGMPSVLLVTCNLNWISWFPFILIYDTDMGREIYHGDPKGSNAQI
 SEQ ID NO:8 -----LWELFGSFRYFTLPVWMLIVTALTWIGWFPFILLFDTDMGREIYRGSPDDPSITQ
 SEQ ID NO:10 PGAVLVNLTSMRHLPPGMYSVLLVMALTWLSWFPFLLFDTDMGREVYHGDPNLSE
 SEQ ID NO:12 -----CGELCLAFKGLKRPMWMLVTAVNWIAWFPFYLEFDTDMGREVYGGDVGO-----
 SEQ ID NO:14 -----GQLFGAFRELKRPMWILLVTCNLWDCLVPFLLFDTDWD-----
 SEQ ID NO:16 -----
 SEQ ID NO:18 -----AGMPSVLLVTCNLNWISWFPFILIYDTDMGREIYHGDPKGTPDEA
 SEQ ID NO:20 P----LAVFKGFKNLPP-.MPSVLLVTCNLNWISWFPFILIYDTDMGREIYHGDPKGTPDE
 SEQ ID NO:22 P----LAVFKGFKNLPPGMPSVLLVTCNLNWISWFPFILIYDTDMGREIYHGDPKGTPDEA
 SEQ ID NO:24 PGAVLVKILTSMRHLPPGMYSVLLVMALTWLSWFPFLLFDTDMGREVYHGDPKGNASER

421
 SEQ ID NO:25 (gi 2969887) S---YSDGVRMGAFGLMNSVVLGITSVLMEKLCRIWGSF-FMWGLSNILMTICF-FAML
 SEQ ID NO:26 (gi 2723471) --EAFNQVRAGAFGLLNSIVLGFSSFLIEPMCRKVGP-RVVWVTSNFIYVCIAMAAATL
 SEQ ID NO:27 (gi 542020) --KLYDRGVRAGALGLMNSVVLGFTSLGVEVLARGVGVKRLWGIWVFLAVCLAMTVL
 SEQ ID NO:28 (gi 1935019) ----YDMGVRGALGLMNSVVLGATSLGVDILARGVGVKRLWGIWVFLAICLGLTVL
 SEQ ID NO:2 --SAFNEGVRVGAFLGLLNSVILGFSSFLIEPMCRKVGP-RVVWVTSNFMVCMVAMAATL
 SEQ ID NO:4 -----
 SEQ ID NO:6 --SAFDEGVRVGSFGLLNSIVLGFSSFLIEPMCRKVGP-RVVWVTSNFMVCMVAMAATL
 SEQ ID NO:8 S---YHDEGVRMGAFGLMNSVVLGFTSIVLEKLCRKWAG-LVWGVSNILMALCF-VAML
 SEQ ID NO:10 --KAYDNGVRGAFGLLNSVVLGIGSFVDPICRLMGA-RLVWAI SNFVFCMLATAI
 SEQ ID NO:12 --KAYDSGVHAGSLGLMNAVLAVMSLAIEPLGRVVGKILWGIWVFLAICLGMTVL
 SEQ ID NO:14 -----WGVR-----CTE-----
 SEQ ID NO:16 -----LGGVKRLWGGINFLAVCLAMTVV
 SEQ ID NO:18 --NAFAQVRAGAFGLLNSVVLGFSSFLIEPLCKRLGP-RVVWVSSNFIYVCIAMAAICI
 SEQ ID NO:20 --ANAFQAGVRAGAFGLLNSVVLGFSSFLIEPLCKRLGP-PRVVWVSSNFIYVCLSMAAIC
 SEQ ID NO:22 --NAFAQVRAGAFGLLNSVVLGFSSFLIEPLCKRLGP-RVVWVSSNFIYVCLSMAAICI
 SEQ ID NO:24 --KAYDDGVREGAFGLLNSVVLGIGSFVDPICRLMIGA-RLVWAI SNFVFCMLATTI

480

5

481

541

FIG. 1F

SEQ ID NO:25	(gi 2969887)	RRPRVD-KSRLH-----H-	601	621
SEQ ID NO:26	(gi 2723471)	PKISK---RQFWSVSMGGH-		
SEQ ID NO:27	(gi 542020)	PSPQDMP-SAKALT-AAFH-		
SEQ ID NO:28	(gi 1935019)	PSPPDMAKSVSATG-GGFH-		
SEQ ID NO:2		PKISK---RQFRAVS-AGGH-		
SEQ ID NO:4		PKLSN---S-YQSAGFHGFG-		
SEQ ID NO:6		PKISK---RQFRAVS-AGGH-		
SEQ ID NO:8		PRARIASRRRGH-----R-		
SEQ ID NO:10		PKLPN---S-YRSAGFHGFG-		
SEQ ID NO:12		PTPKKADEVRASSLNMGSLH-		
SEQ ID NO:14		-----FR-		
SEQ ID NO:16		PSPPPDVVLK--VSGGMH-		
SEQ ID NO:18		PKISR---RQFRAVS-GGGH-		
SEQ ID NO:20		LPKIS---RRQFRAV-SGGGH		
SEQ ID NO:22		PKISR---LQFRAVS-GGGH-		
SEQ ID NO:24		PKLSN---N-YQSAGFH-MG-		